

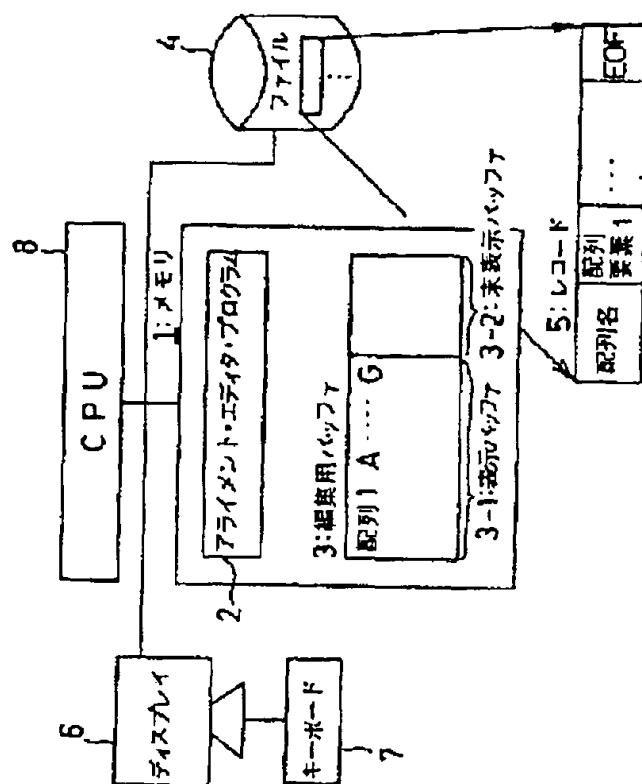

 Include

MicroPatent® PatSearch FullText: Record 1 of 1

Search scope: JP ; Full patent spec.

Years: 1971–2002

Text: Patent/Publication No.: JP04058879


[Order This Patent](#)
[Family Lookup](#)
[Citation Indicators](#)
[Legal Status](#)
[Go to first matching text](#)

JP04058879 A

EDITING DEVICE FOR ANALYZING GENE DATA

KOKURITSU IDENGAKU KENKYUSHO FUJITSU LTD

Inventor(s): GOJI YOUBORI TAKASHI ; MORIYAMA ETSUKO ; KISHINO ATSUKO ; HIRAI KANAKO ; NAITO KIMITOSHI

Application No. 02166444 JP02166444 JP, Filed 19900625, A1 Published 19920225

Abstract: PURPOSE: To make it easy to carry out mutual comparison of a number of gene sequences by storing gene sequences in a display buffer of buffer for editing adjacently each line unit and storing overflowed element in undisplay buffer.

CONSTITUTION: Plural gene sequences are successively and adjacently stored each line unit in a display buffer 3-1 of buffer 3 for editing to repeat formation of block. Elements stored in the buffer 3-1 are shown on a display and inserted in the position of arbitrary elements to retreat elements overflowed from the buffer 3-1 in undisplayed buffer 3-2. As necessary, only useful elements are taken out from buffers 3-1 and 3-2 and re-stored and displayed in the buffer 3-1.

COPYRIGHT: (C)1992,JPO&Japio

Int'l Class: C12M00100;

Patents Citing this One: No US, EP, or WO patents/search reports have cited this patent.



Home



Search



List

For further information, please contact:

[Technical Support](#) | [Billing](#) | [Sales](#) | [General Information](#)

⑩ 日本国特許庁 (JP)

⑪ 特許出願公開

⑫ 公開特許公報 (A)

平4-58879

⑬ Int. Cl. 5

C 12 M 1/00

識別記号

厅内整理番号

A 8717-4B

⑬ 公開 平成4年(1992)2月25日

審査請求 未請求 請求項の数 1 (全7頁)

⑭ 発明の名称 遺伝子情報解析用編集装置

⑮ 特 願 平2-166444

⑯ 出 願 平2(1990)6月25日

⑰ 発明者 五條 堀 孝 静岡県三島市谷田1111 国立遺伝学研究所内
⑱ 発明者 森山 悅子 静岡県三島市谷田1111 国立遺伝学研究所内
⑲ 発明者 岸野 敦子 神奈川県川崎市中原区上小田中1015番地 富士通株式会社
内
⑳ 発明者 平井 佳奈子 神奈川県川崎市中原区上小田中1015番地 富士通株式会社
内
㉑ 発明者 内藤 公敏 神奈川県川崎市中原区上小田中1015番地 富士通株式会社
内
㉒ 出願人 国立遺伝学研究所長 静岡県三島市谷田1111
㉓ 出願人 富士通株式会社 神奈川県川崎市中原区上小田中1015番地
㉔ 代理人 弁理士 岡田 守弘

明 紹 書

1. 発明の名称

遺伝子情報解析用編集装置

2. 特許請求の範囲

遺伝子情報を解析して編集を行う遺伝子情報解析用編集装置において、

ディスプレイ(6)上に表示するデータを格納する表示バッファ(3-1) およびこの表示バッファ(3-1) からオーバフローしたデータを格納する未表示バッファ(3-2) からなる編集用バッファ(3)を設け、

この編集用バッファ(3)の表示バッファ(3-1) に対して、指定された複数の配列名に対応づけて要素を1行分順次格納してブロックとし、このブロックに格納し得ない残余分について次のブロックに格納することを繰り返し、

これら編集用バッファ(3)の表示バッファ(3-1) に格納した要素をディスプレイ(6)上に表示して任

意の要素の位置にカーソルを移動して挿入などされたことに対応して、当該表示バッファ(3-1) からオーバフローした要素を未表示バッファ(3-2) に退避し、必要に応じて表示バッファ(3-1) および未表示バッファ(3-2) から有意な要素のみを取り出して当該表示バッファ(3-1) に再格納・表示するように構成したことを特徴とする遺伝子情報解析用編集装置。

3. 発明の詳細な説明

(概要)

遺伝子情報を解析して編集を行う遺伝子情報解析用編集装置にし、

指定された複数の配列を行単位に順次接続させたブロックを形成して編集用バッファのうちの表示バッファに格納し、これを表示して挿入などの編集を行った結果を次のブロックなどに反映し、多數の遺伝子配列の相互比較を行い易くして編集を短時間に可能にすることを目的とし、

ディスプレイ上に表示するデータを格納する表

示バッファおよびこの表示バッファからオーバフローしたデータを格納する未表示バッファからなる編集用バッファを設け、この編集用バッファの表示バッファに対して、指定された複数の配列名に対応づけて要素を1行分順次格納してブロックとし、このブロックに格納し得ない残余分について次のブロックに格納することを繰り返し、これら編集用バッファの表示バッファに格納した要素をディスプレイ上に表示して任意の要素の位置にカーソルを移動して挿入などされたことに対応して、当該表示バッファからオーバフローした要素を未表示バッファに退避し、必要に応じて表示バッファおよび未表示バッファから有意な要素のみを取り出して当該表示バッファに再格納・表示するように構成する。

【産業上の利用分野】

本発明は、遺伝子情報を解析して編集を行う遺伝子情報解析用編集装置に関するものである。生物学や生物学利用分野において、多数の遺伝子配

列の解析を同時に簡易に行う編集装置が望まれている。

【従来の技術と発明が解決しようとする課題】

従来、遺伝子配列をディスプレイ上に表示して解析し、この解析に対応して遺伝子の挿入などの編集を行う場合、第6図に示すように遺伝子配列例えば配列名（例えば人間）1について遺伝子の配列要素S11、S12…を1つのブロックに表示し、同様に配列名（例えばサル）2などについてもそれぞれブロックに表示していた。このため、これら配列名1のブロック、配列名2のブロックなどの中の対応する斜線で示す配列要素を見つけて相互に比較して解析し、類似度が高くなるように所望の配列要素を挿入などの編集を行う際に、対応する配列要素を比較し難いという問題があつた。

本発明は、指定された複数の配列を行単位に順次接続させたブロックを形成して編集用バッファのうちの表示バッファに格納し、これを表示して

挿入などの編集を行った結果を次のブロックなどに反映し、多数の遺伝子配列の相互比較を行い易くして編集を短時間に可能にすることを目的としている。

【課題を解決するための手段】

第1図を参照して課題を解決するための手段を説明する。

第1図において、編集用バッファ3は、ディスプレイ6上に表示するデータを格納する表示バッファ3-1およびこの表示バッファ3-1からオーバフローしたデータを格納する未表示バッファ3-2から構成され、複数の遺伝子配列を接する行に順次表示して編集するためのバッファである。

アライメント・エディタ・プログラム2は、遺伝子配列を編集用バッファ3に格納したりなどの各種編集処理を行うプログラムである。

【作用】

本発明は、第1図に示すように、アライメント・エディタ・プログラム2が、指定された複数の配列名について、編集用バッファ3の表示バッファ3-1に対して要素（遺伝子）を行単位に順次格納してブロックとし、このブロックに格納し得ないときに次のブロックに格納することを繰り返し行い、これら編集用バッファ3の表示バッファ3-1に格納した要素をディスプレイ6上に表示し、カーソルを任意の要素の位置に移動して挿入などされたことに対応して、当該表示バッファ6-1からオーバフローしたときに未表示バッファ3-2に保存し、必要に応じて表示バッファ3-1および未表示バッファ3-2から有意な要素を取り出して当該表示バッファ3-1に再格納・表示するようしている。

従って、編集用バッファ3の表示バッファ3-1に複数の遺伝子配列を行単位に順次接続して格納してブロックを形成することを繰り返し、これらブロック単位に表示した遺伝子配列の任意の位置に要素を挿入などしたときに編集用バッファ3

の表示バッファ3-1からオーバフローした要素を未表示バッファ3-2に保存などして必要に応じて有意な遺伝子情報を取り出して再格納・表示することにより、多数の遺伝子配列の相互比較を行い易くして編集を短時間に行うことが可能となる。

〔実施例〕

次に、第1図から第5図を用いて本発明の1実施例の構成および動作を順次詳細に説明する。

第1図において、メモリ1は、遺伝子配列を編集などするアライメント・エディタ・プログラム2を格納したり、編集用バッファ3などを設けたりなどするメモリである。

編集用バッファ3は、ディスプレイ6上に表示するデータ（配列名、遺伝子情報の要素など）を格納する表示バッファ3-1およびこの表示バッファ3-1中の任意の位置に文字（遺伝子情報を表す文字）を挿入などしたときに当該表示バッファ3-1からオーバフローしたデータを格納する

のファイル名および配列名を指定する。

①は、指定された配列を読み込む。これは、第1図アライメント・エディタ・プログラム2が①、②で指定されたファイル名中の指定された配列名のレコード5を、メモリ1に読み込む。

②は、配列名を表示する。これは、①でメモリ1上に読み込んだ1つのレコード5から配列名を取り出し、編集用バッファ3のうちの表示バッファ3-1の先頭から格納し、ディスプレイ6上に例えば第4図(イ)配列名“配列1”として表示する。

③は、配列名に対応する遺伝子を所定の長さ分表示する。これは、②で表示した配列名例えば“配列1”に対応する遺伝子を所定の長さ分(1行分)を編集用バッファ3のうちの表示バッファ3-1の配列1に統けて格納し、ディスプレイ6上に第4図(イ)配列1に続く遺伝子“ATTA GCTG”のように表示する。

④は、終わりか否かを判別する。これは、指定された配列名について1行分づつ順次ディスプレ

未表示バッファ3-2から構成されるものである。

ファイル4は、遺伝子情報をレコード5の構造で格納するファイルである。レコード5は、図示のように配列名に対応づけて配列要素1、配列要素2・・・、EOF(エンド・オブ・ファイル)から構成されている。

ディスプレイ6は、編集用バッファ3のうちの表示バッファ3-1に格納したデータなどを表示するものである。

キーボード7は、ディスプレイ6上に表示された遺伝子配列中の任意の位置にカーソルを移動したり、このカーソルの位置に文字（遺伝子情報を表す文字）をキー入力したりなどするものである。

まず、第2図フローチャートに示す順序に従い、第1図構成の表示動作を第4図を参照して詳細に説明する。

第2図において、①は、ファイル名の指定を行う。

②は、配列名の指定を行う。これら①、②は、第1図キーボード7からキー入力して、編集対象

6上に第4図(イ)ブロック1に示すように表示したか否かを判別する。YESの場合には、③を行う。NOの場合には、指定された次の配列名について④、⑤を繰り返し実行し、1ブロックについて表示を行う。

③は、残余の配列データ有りか否かを判別する。YESの場合には、④で新規ブロックについて開始し、⑤以降を繰り返し行い、NOの場合には、終了する(END)。

以上の処理によって、利用者が指定した複数の配列名に対応づけて配列要素(遺伝子)をブロック単位に第4図(イ)に示すように表示することにより、指定した複数の配列名の配列要素(遺伝子)を相互に容易に比較することが可能となる。

次に、第3図フローチャートに示す順序に従い、第1図構成の編集動作を第4図を参照して詳細に説明する。

第3図において、①は、カーソルを挿入位置に移動する。

②は、文字をキー入力する。

は、挿入位置以降にある元の文字を移動し、その位置に表示する。これら④、⑤、⑥は、第4図(イ)の④で示す文字“T”の位置にカーソルを移動し()、この状態で第1図キーボード7から例えば文字“*”をキー入力し(⑦)、第4図(ロ)に示すように挿入位置以降にある元の文字列“TAGCTG”を右側に1文字分移動させた後にキー入力した位置に文字“*”を格納して表示する。

⑧は、アクションキーの入力か否かを判別する。YESの場合には、⑨以降で再表示を行う。NOの場合には、⑩以降を行う。

⑪は、編集用バッファから1行分データを読み込む。

⑫は、有意なデータを取り出し連結する。

⑬は、終わりか否かを判別する。YESの場合(⑭、⑮で編集用バッファ3の表示バッファ3-1および未表示バッファ3-2から1行単位に読み込み、配列名に対応づけて有意なデータのみを抽出して連結し終わった場合)には、⑯で再表示

する。この再表示は、第2図⑯に行き、⑯ないし⑯で編集用バッファ3のうちの表示バッファ3-1にブロック単位に配列要素(遺伝子)を格納して表示する。例えば第4図(ロ)の状態から第4図(ハ)の状態に処理を行って再表示する。一方、NOの場合には、⑩以降を繰り返し行う。

以上の処理によって、ブロックの任意の文字位置にカーソルを移動してキー入力した文字を行単位に挿入し、必要に応じて再表示処理を行ってブロック単位に全ての配列要素を表示させることにより、比較対象の配列の要素を隣接して見易く表示して挿入操作を迅速に行うことが可能となる。

第4図は、本発明の動作説明図を示す。各図は、編集用バッファ3の表示バッファ3-1および未表示バッファ3-2にデータを格納して表示する様子を示す。ここで、表示バッファ3-1に格納したデータ(配列名、遺伝子)のみをディスプレイ6上に表示する。

第4図(イ)は、表示当初の状態を示す。これは、配列1、配列2、配列3を指定したときに、

第2図⑯ないし⑯の処理によって表示バッファ3-1に格納した状態を示す。

第4図(ロ)は、第4図(イ)の状態のもとで“*”を挿入した後の状態を示す。ここで、ブロック1の配列1中に“*”を1つ挿入したため、表示バッファ3-1の右端の文字“C”がオーバーフローして未表示バッファ3-2に格納されている。同様に、配列3は、2つの文字“CA”がオーバーフローして未表示バッファ3-2に格納されている。この状態では、これら未表示バッファ3-2に格納された文字は、ディスプレイ6上に表示されない。

第4図(ハ)は、第4図(ロ)の状態で再表示処理を行った後の状態を示す。これは、第3図⑯でアクションキーが入力(押下)されたときに、⑯ないし⑯の処理によって再表示したものである。

第5図は、本発明に係る遺伝子配列例を示す。

第5図(イ)は、遺伝子配列(DNA配列)の例を示す。遺伝子は、4種類の塩基(A:アデニン、G:グアニン、T:チミン、C:シトシン)

から構成されている。この場合のDNA配列の例を本発明に係るブロック単位で表示すると、図示のように配列名KRI1、KRI2、KRI24、KRI30の4つについて図示のように各遺伝子を表示する(ブロック2以降は省略)。

第5図(ロ)は、遺伝子配列(タンパク質配列)の例を示す。塩基が3つ組になると、タンパク質(protein)を作り、組合せによって作られるタンパク質が決まっている。その関係を示すと、第5図(ハ)遺伝暗号表に示すようになる。タンパク質の例を示したもののが第5図(ロ)である。

第5図(ハ)は、遺伝暗号表を示す。ここで、各略号は、下記を要す。

Ala:アラニン、A

Arg:アルギニン、R

Asn:アスパラギン、N

Asp:アスパラギン酸、D

Cys:システイン、C

Gln:グルタミン、Q

Glu:グルタミン酸、E

Gly:グリシン、G
 His:ヒスチジン、H
 Ile:イソロイシン、I
 Leu:ロイシン、L
 Lys:リジン、K
 Met:メチオニン、M
 Phe:フェニルアラニン、F
 Pro:プロリン、P
 Ser:セリン、S
 Thr:トレオニン、T
 Trp:トリプトファン、W
 Tyr:チロシン、Y
 Val:バリン、V

尚、本実施例は、挿入操作について説明したが、この他に複写、移動、削除の場合も同様に、表示バッファ3-1からオーバフローしたときに未表示バッファ3-2に保存し、一方、ブロックの行内の文字数が少なくなったときは零などのユニークなデータを格納し、アクションキーの押下に対応して有意なデータのみを抽出して表示バッファ

3-1に再格納・表示するようにしてもよい。

また、本実施例のシステムを実際にUNIX上で動作させ、4本のKringleのDNAの遺伝子配列（長さ234）の編集を行い、15文字の遺伝子（この場合はギャップ）を挿入した。

（発明の効果）

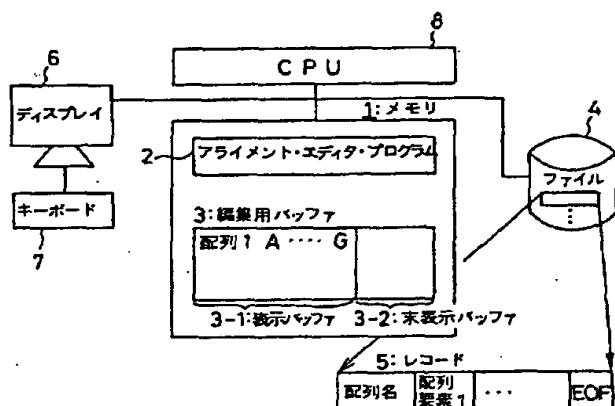
以上説明したように、本発明によれば、編集用バッファ3の表示バッファ3-1に複数の遺伝子配列を行単位に順次隣接して格納してブロックとすることを繰り返し、これら表示した遺伝子配列の任意の位置に要素を挿入などしたときに編集用バッファ3の表示バッファ3-1からオーバフローした要素を未表示バッファ3-2に保存などして必要に応じて有意な遺伝子情報を取り出して再表示する構成を採用しているため、多数の遺伝子配列の相互比較を行い易くし、編集を短時間に行なうことができる。これにより、遺伝情報解析の効率化を図り、遺伝機能の発見に大きく寄与する。

4. 図面の簡単な説明

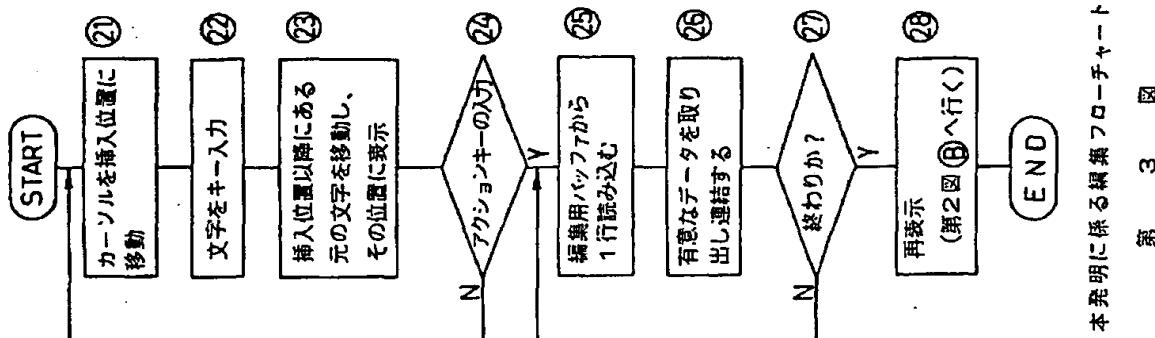
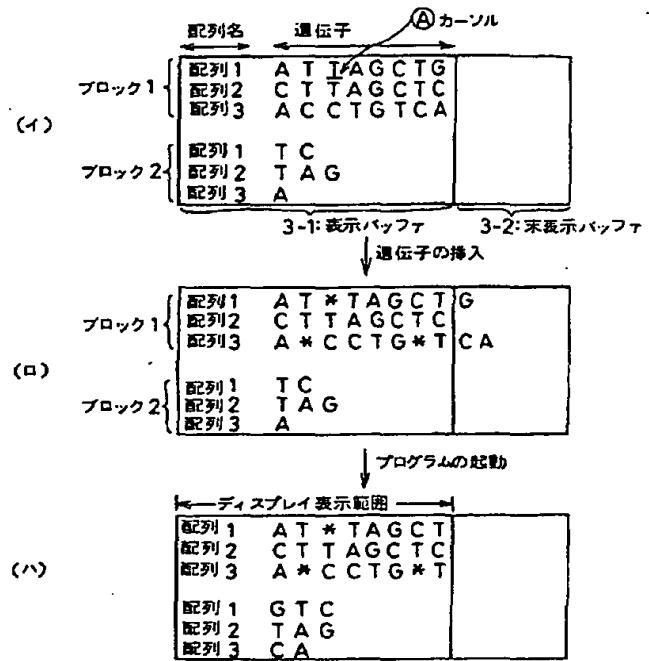
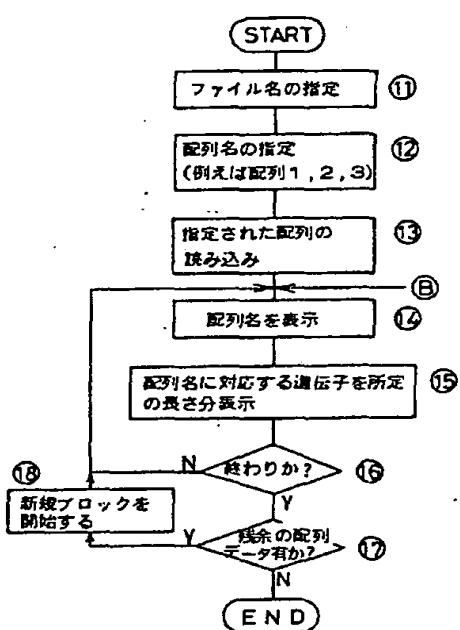
第1図は本発明の1実施例構成図、第2図は本発明に係る表示フローチャート、第3図は本発明に係る編集フローチャート、第4図は本発明の動作説明図、第5図は本発明に係る遺伝子配列例、第6図は従来技術の説明図を示す。

図中、1はメモリ、2はライメント・エディタ・プログラム、3は編集用バッファ、3-1は表示バッファ、3-2は未表示バッファ、4はファイル、5はレコード、6はディスプレイ、7はキーボードを表す。

特許出願人　富澤　純一（外1名）
代理人弁理士　岡田　守弘



本発明の1実施例構成図



配列名		遺伝子	DNA列
ブロック1	KR11	CAT	CAT AAT ...
	KR12	CAC	CAT TCG ...
	KR124	CAC	CAT TCG ...
	KR130	CAC	CAT AGT ...

A:アデニン G:グアニン T:チミン C:シトシン
遺伝子配列の例 (イ)

配列名	ブロック1	ブロック2	ブロック3	ブロック4	ブロック5	ブロック6	ブロック7	ブロック8	ブロック9
KRI1		H	O	H	N			
KRI2	H	S	H	S	H			
KRI3	H	S	H	S	H			
KRI4	H	S	H	S	H			

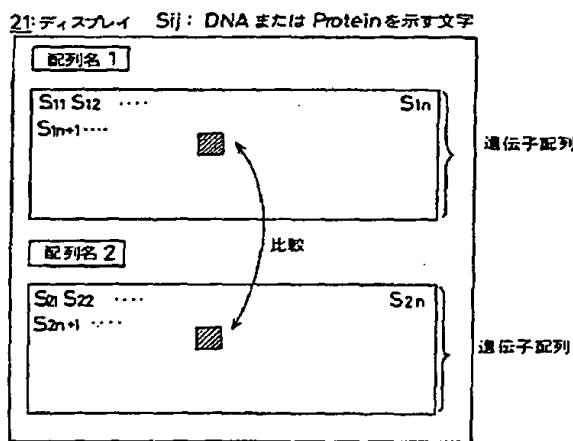
伝子配列の例 (口)

U		C	A	G
UUU	Phe	UCU	UAU	UGU
UUC		UCC	Tyr	cys
UUA		UCA	UAC	C
UUG	Leu	UCG	UAA	UGA
CUU		CCU	#止	#止
CUC		CCC	UAG	Trp
CUA	Leu	CCA	CAU	G
CUG		CCG	CAU	Trp
AUU		ACU	CGU	U
AUC	Ile	ACC	CGC	C
AUA	Met	ACA	His	Cys
AUG	開始	ACG	CGG	C
GUU		GCU	CGG	A
GUC		GCC	Ala	Gly
GUA		GCA	GAA	Gly
GUG		GCG	GAG	G

15

本発明に係る選伝子配列例

五
第



従来技術の説明図

【公報種別】特許法第17条の2の規定による補正の掲載
 【部門区分】第1部門第1区分
 【発行日】平成10年(1998)12月2日

【公開番号】特開平4-58879
 【公開日】平成4年(1992)2月25日
 【年通号数】公開特許公報4-589
 【出願番号】特願平2-166444
 【国際特許分類第6版】

C12M 1/00

【F1】

C12M 1/00

A

手続補正書

平成9年05月23日

特許庁長官 謹

1. 事件の表示 平成2年特許公報166444号

2. 発明の名称 情報解析用組合装置

3. 補正をする者

事件との関係 特許出願人

住 所 静岡県三島市谷田1111

名 称 国立遺伝子研究所長

富澤 純一

事件との関係 特許出願人 平成8年4月1日住所変更済(括弧)

住 所 神奈川県川崎市中原区上小田中4丁目1番1号

名 称 (522) 富士通株式会社

代表者 四澤 雄

4. 代理人

住 所 東京都目黒区平町1丁目21番20-603号

氏 名 (8914) 弁理士 関田 守弘

電話番号 03-3725-2215

5. 補正により増加する請求項の数 0

6. 補正の対象 発明の名称、特許請求の範囲の欄

発明の詳細な説明の欄、および図面

7. 補正の内容 別紙の通り



補正の内容

1. 発明の名称「遺伝子情報解析用組合装置」を「情報解析用組合装置」と補正する。

2. 特許請求の範囲の欄の全文を下記の通り補正する。

「情報を解析して組合を行う情報解析用組合装置において、

ディスプレイ (6) 上に表示するデータを格納する表示バッファ (3-1) およびこの表示バッファ (3-1) からオーバーフローしたデータを格納する未表示バッファ (3-2) からなる組合用バッファ (3) を設け、

この組合用バッファ (3) の表示バッファ (3-1) に対して、信頼された複数の配列名に対応づけて要素を1行分順次格納してプロットとし、このプロットに格納し得ない残余分について次のブロックに格納することを繰り返し、

これら組合用バッファ (3) の表示バッファ (3-1) に格納した要素をディスプレイ (6) 上に表示して任意の要素の位置にカーソルを移動して押入などされたことに対応して、当該表示バッファ (3-1) からオーバーフローした要素を未表示バッファ (3-2) に退避し、必要に応じて表示バッファ (3-1) および未表示バッファ (3-2) から有意味な要素のみを取り出して当該表示バッファ (3-1) に再格納・表示するように構成したことを特徴とする情報解析用組合装置。」

3. 明細書第2頁第12行目、第8頁第18行目、第7頁第3行目に記載の「遺伝子情報」を「情報」とそれぞれ補正する。

4. 明細書第2頁第12行目ないし同頁第13行目、第9頁第18行目ないし同頁第19行目に記載の「遺伝子情報解析用組合装置」を「情報解析用組合装置」とそれぞれ補正する。

5. 明細書第2頁第18行目、第8頁第20行目ないし第4頁第1行目、第5頁第2行目、第5頁第13行目、第5頁第18行目ないし同頁第17行目、第6頁

第17行目、第6頁第19行目、第7頁第4行目に記載の「遺伝子配列」を「配列」とそれぞれ補正する。

6. 明細書第3頁第19行目ないし同頁第20行目に記載の「生物学や生物学用分野、音声情報配列の解析分野」と補正する。

7. 明細書第4頁第5行目、第4頁第7行目に記載の「遺伝子配列」を「例えば遺伝子配列」とそれぞれ補正する。

8. 明細書第4頁第8行目に記載の「遺伝子」を「遺伝子など」と補正する。

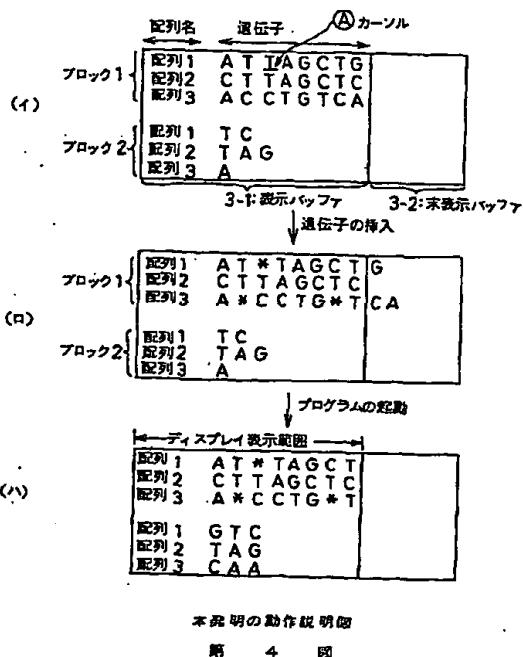
9. 明細書第16行目ないし同頁第17行目に記載の「問題があった。」を下記の通り補正する。

「問題があった。また、音声認識の分野においては、音声情報列の標準パターンと対応づけてを行い、入力音声が何であるかを認識する場合にも同様の問題があった。」

10. 明細書第6頁第4行目に記載の「(遺伝子)」を「(例えば遺伝子)」と補正する。

11. 図面について、第4図を添付の通り補正する。

以上



本発明の動作説明図

第 4 図